

Figure 1

gcttcctccc taggcgtgag actccggctc cttcact atg aga ctt cta gcc ctt	55
<u>Met Arg Leu Leu Ala Leu</u>	
1 5	
tcc ggt ctg ctc tgc atg ctg ctc ctc tgt ttc tgc att ttc tcc tca	103
<u>Ser Gly Leu Leu Cys Met Leu Leu Leu Cys Phe Cys Ile Phe Ser Ser</u>	
10 15 20	
gaa ggg aga aga cat cct gcc aag tcc ttg aaa ctc agg cgc tgc tgt	151
<u>Glu Gly Arg Arg His Pro Ala Lys Ser Leu Lys Leu Arg Arg Cys Cys</u>	
25 30 35	
cac cta tct cct aga tcc aag ctg aca acc tgg aaa gga aac cac aca	199
His Leu Ser Pro Arg Ser Lys Leu Thr Thr Trp Lys Gly Asn His Thr	
40 45 50	
agg ccc tgc aga ctc tgc aga aac aag cta cca gtc aag tca tgg gtg	247
Arg Pro Cys Arg Leu Cys Arg Asn Lys Leu Pro Val Lys Ser Trp Val	
55 60 65 70	
gtg cct ggg gct ctc cca cag ata tag ggctcctcc gccagatga	294
Val Pro Gly Ala Leu Pro Gln Ile	
75	
agcgttgatg cccagatgtg gagacaccag aagcatacac actatgttgc cttgcccctt	354
gccaatgagc tgtgacactg gaatgcttca cttcagacat cagggcggat ggattgcaga	414
attccaagtc ctcattccaa aggtgtcacc aaccttcaga gtcactaagg tccaggctca	474
gccacaagt caccatggct cctccagagt aaaagtccaa gattccacct gtgggagcta	534
cagatccaga gactttcaag ctgactagag tgcagagaag caagacctca gtgtgatcag	594
ccgagactac agcatcttgg gaaccctcag tcagccccaa acccctaaca cttaaccact	654
ggtctccaaa ccaacacctg taacttccta atgaaatcat caggaggata ccaaaagaaa	714
taaaccataa atcagcatac aactaaaaa	744

Figure 2

```

ggaacgaggg aaaatctgcc ttctcacc atg agg ctt cta gtc ctt tcc agc      52
      Met Arg Leu Leu Val Leu Ser Ser
              1              5

ctg ctc tgt atc ctg ctt ctc tgc ttc tcc atc ttc tcc aca gaa ggg      100
Leu Leu Cys Ile Leu Leu Leu Cys Phe Ser Ile Phe Ser Thr Glu Gly
      10              15              20

aag agg cgt cct gcc aag gcc tgg tca ggc agg aga acc agg ctc tgc      148
Lys Arg Arg Pro Ala Lys Ala Trp Ser Gly Arg Arg Thr Arg Leu Cys
      25              30              35              40

tgc cac cga gtc cct agc ccc aac tca aca aac ctg aaa gga cat cat      196
Cys His Arg Val Pro Ser Pro Asn Ser Thr Asn Leu Lys Gly His His
              45              50              55

gtg agg ctc tgt aaa cca tgc aag ctt gag cca gag ccc cgc ctt tgg      244
Val Arg Leu Cys Lys Pro Cys Lys Leu Glu Pro Glu Pro Arg Leu Trp
              60              65              70

gtg gtg cct ggg gca ctc cca cag gtg tag cactcccaaa gcaagactcc      294
Val Val Pro Gly Ala Leu Pro Gln Val
              75              80

agacagcgga gaacctcatg cctggcacct gaggtaccca gcagcctcct gtctcccctt 354
tcagccttca cagcagtgag ctgcaatgtt ggagggcttc atctcgggct gcaaggaccc 414
tgggaaagt ccagaactcc acgtccttgt ctcaattgtg ccatcaactt tcagagctat 474
catgagccaa cctcacccca cagggcctca gtcgccacca tgtgggcctc tccagtgcaa 534
accaccgagc attccaccat gaccggtcac agctacaaat ccagagacca tcaatcctgc 594
tagagtgcag ggtggcaagc acccaagggg ggctgaccaa gactgcagag tctcctccat 654
cttcagggtc attcagcctc ctggcattta actaccagca tccagtgggc cccaaggaat 714
cccttcctag cctcctgaca tgagtctgct ggaaagagca tccaaacaaa caagtaataa 774
ataaataaat aaactcaatg cagacacaaa aa                                806

```

1	MRLLTSLGLF	FMLFLCLCVL	SSEGRKRPAK	F...PKLRPR	CHLSPRSKPI
rat Secs-1	MRLLALSGLL	CMLLLCFCIF	SSEGRRHPAK	S...LKLRRRC	CHLSPRSKLT
murine Secs-1	MRLLVLSSLL	CILLLCFSIF	STEGKRPPAK	AWSGRRTRLR	CHRVSPSPNST
human Secs-1					
	51			81	
rat Secs-1	TWKGNHTRPC	RPCR.KLESN	SWVVPALPQ	I	
murine Secs-1	TWKGNHTRPC	RLCRNKLVPK	SWVVPALPQ	I	
human Secs-1	NLKGHHVRLC	KPCKLEPEPR	LWVVPALPQ	V	

1	MRLLTSLGLF	FMLFLCLCVL	SSEGRKRPAK	F...PKLRPR	CHLSPRSKPI
rat Secs-1	MRLLALSGLL	CMLLLCFCIF	SSEGRRHPAK	S...LKLRRRC	CHLSPRSKLT
murine Secs-1	MRLLVLSSLL	CILLLCFSIF	STEGKRPPAK	AWSGRRTRLR	CHRVSPSPNST
human Secs-1					
	51			81	
rat Secs-1	TWKGNHTRPC	RPCR.KLESN	SWVVPALPQ	I	
murine Secs-1	TWKGNHTRPC	RLCRNKLVPK	SWVVPALPQ	I	
human Secs-1	NLKGHHVRLC	KPCKLEPEPR	LWVVPALPQ	V	

[illegible]

0
446 ATGAGGCTTCTAGTCCTTTCCAGCCTGCTCTGTATCCTGCTTCTCTGCTTCTCCATCTTC
:
1 M R L L V L S S L L C I L L L C F S I F

60 . : . : . : . : . :
506 TCCACAGAAGGTAGGGCAGCCCCAGGGTGCGATCCCTGAGCAGGATTTCAGCATCTGG
:
21 S T E

120 . : . : . : . : . :
566 GAAGACTCTGATCAGGATTTGTTGGAGGGCAGGCCTTGGNNNNNNNNNCGCGCGTACTT
:

180 . : . : . : . : . :
626 CCAGCCCCGTGGTGAAGACGAAAGAGGGCTCTTCTCCTGAACCTATAGGTTTGGGGCTC
:

240 . : . : . : . : . :
686 AGGACTGCCTGCAGGTGGCTTGGGGGTTCATTACAGCCCCTGCACCCCCAATACATA
:

300 . : . : . : . : . :
746 CCCAGCCTAAGTAAAGTGGTGTGTTGCCATGCAAACACACATACAACCTCTCAGCTAGA
:

360 . : . : . : . : . :
806 TTACTGTGCTTAAGTCCTACCTATCTAGAATTTCTGGAGCCATTCTCTTGTA CTGTGTC
:

420 . : . : . : . : . :
866 ATGCTTGGAACAGAGTAAATTAGTGTGGGCAAATGAATACATTAATTAGTAGACCATCT
:

480 . : . : . : . : . :
926 AAGTCTGAACATCCCAAAACCTCATGCCAGAAAATATCCATGAGCAGCTGAAATGAAGG
:

540 . : . : . : . : . :
986 TGTGTGTGGTAGGGAGGTGGGGTATGTTTATGCATGTTTAGAAGGGGACACCATCTTTTT
:

600 . : . : . : . : . :
1046 ACCTCTATAGATATGAATATTTAGCTCTCTTGCCCTTTTTTCTTTTTTCTTTTTTTTTTT
:

660 . : . : . : . : . :
1106 TTTTTTGAGATGGAGTCTTGCTCTGTCACCCAGGCTGGAGTGCAGTGGCGCTATCTCAGC
:

720 . : . : . : . : . :
1166 TCACTGCAATCTCCGCTCCTGGGTTCAAGCAATTCTCTGCCTCAGCCTCCCAAGTAGCT

Figure 4B

```
780      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1226 GAGATTACAGGTGCCCACCACCAAGCCCAGCTAATTTTTGTATTTTGTAGTACAGACAGGT
-----

840      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1286 TTCACCATCTTGGCCAGGCTGGTCTTGAACCTCCTAACCTCGTAATCCTCCCACCTCGGCC
-----

900      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1346 TCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCGTGAGCCACCATGCCTGGCTGCCTTTCTTGATTGAG
-----

960      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1406 ATAGCTGAGTGTTTCAATCCATTTTTCTCTTGTCTAACCTCTAGAACTGCCTACATTT
-----

1020     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1466 ATTTTTTGTTTTAGTGGTTATGGTTACTCAAACTTTTGGGTGGGGGGAGCTGGAGCTATA
-----

1080     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1526 GAAATATATAAAGAGAAGAAAAACACTCAATTCCATGATTCAAGAGTAGCCATGTTCAAC
-----

1140     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1586 ATTTTGTTTATTTTCCTTGCATGTAGAATTTTAAAAAATTAATTGATGTACCTATATGTTT
-----

1200     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1646 AAGGTTATATCTTTTTTTATTTTATCACTATATATATTGTTATAATCACCCAAAATGCTTAT
-----

1260     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1706 GATTGAAGATATTCTGGAAGCATTTACAACCCAGTGTGTCAGCAGCAGCCATCTCTGAGTAG
-----

1320     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1766 TGGGATTATAACAAGTGTTTGTTTTACAAAGTTTCTGCGATGAAAATGTCCCACATATAT
-----

1380     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1826 AATAAGGAAAACAGTGATTAGAATTCCCTCATAAACACAGCCCGTGACATGCAATTTATCA
-----

1440     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1886 GACCTCTATTTTTTGGACATGTTGGAGGTTGCCAGTGATACCCTAGTGACAATTAAATGAG
-----

1500     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1946 GATAGATACCTTCCCCCATAAAGTTTCCCTATCCATTTAGGACTATCTGTAGCAAACCTCTT
-----
```

GenBank accession number: F01111.1 (Hepatitis A virus, strain H77, genome, full length, 8461 nt, 1989-1990)

Figure 4C

1560 : :
2006 GAAGTAGCATTAACTCAACTAATATTTTCAGGTATAACTTGCTACAAGTGAACGTACTATG

1620 : :
2066 ATGAATTTACATGCTTAGACATTTAGATAGTTCACAATTGTGTGCTTTTCCTTTTTTGAA

1680 : :
2126 GCAAGATCTTGCTCTCTTGCCCAGGTCGGAGTGCAGTGGCATGACCACGGCTCAGTGCAG

1740 : :
2186 GCTTGACTTCCAGGGCTCAAGCAATACTCGCACCTCAGGTTTTCCAGTAGCTGGGAAAAC

1800 : :
2246 AGGTGCGCACCACAATGCCCTGCTAATTTTTTAAAAATTTTTTGCAGAGACGAGGTCTCTCT

1860 : :
2306 AAGTTGCCCAGGCTGGTCTTGAACCTCTGGACTCAAGCCATCCTCCCACCTTGGCCTCCC

1920 : :
2366 AGAGTGCTAGGATCACAGGCATGAGCCACCACACCTGGCCTACTTTGACATTTTAATTA

1980 : :
2426 TGTGGTAAAAGGTATATATGTACATAAAGTATGTCCTTTATTCAGGCTTTTTTCTTTTT

2040 : :
2486 TTCTTTTTTTTTATTTTTTTTGAGACGAAGTTTTTGTCTTTGTTGTCCAGGCTGGAGTGTA

2100 : :
2546 TGGCATGCTCTTGGCTCACCACAACCTCCGCCTCCCGGGTTCAAGTGATTCTCCTGCCTC

2160 : :
2606 AACCTCCTGAGTAGCTGGGATTACAGGCATGCACCAACATGCCAGGCTGATTTTGTATTT

2220 : :
2666 TTAGTAGAGATGGGGTTTCTCCATGTTGGTCAGGCTGGTCTCGAACACTCGACCTCAAGT

2280 : :
2726 GATCCGCCCACCTCAGCCTCCCAAAGAGCTAGGATTACAGGCATGAGCCACCACCCAG

[illegible]

Figure 4E

3060 : :
3506 GGGGCATGCAGGCAGAGGAGGCAGCAAGGGTGAAGGGCAAGAGTGGGGTATGGAAGACAG

3120 : :
3566 ATGGTAGCAGGGCTTGAGAGGTACTCCCAGAAGCTAAGGACCAAAGCTGCCTGTGAACCC

3180 : :
3626 TGTGGACCTGGGGCACAGATCAGCATGCAGGTCACCAGCAGGGGAGTGGGCCCTGAGGGTC

3240 : :
3686 CAGAGAGCCATAGCTTGGCAGGAGATAAGGCAGCCCCAGAGATGCCAGCAGGCAGCATCC

3300 : :
3746 AGGCTGCATGACCAGAACGAGGCCCAGAAGAGCAAGGCTGCCCTCTCCCTGAGGCCCTGGG

3360 : :
3806 GACACTGGGAGGCCCTGTGGCGGACAGGCCCAAGCTCAGGAGGGCTGCGGGCACCCAGTTC

3420 : :
3866 CCTGCACAGGGGCTGCAGGCCCAGAGCAGATATTCACTGGAGTTGCCAGCCCAGGTGGA

3480 : :
3926 AGGGTCAGGCTGCTGGAGCTTGGGTAGGGCAGGCAGATCCCCAAGGGGAGACTGTGGACC

3540 : :
3986 CTGAGTCAGACAGCCTGACACCAACCTGGGGCTCCTGCCTGAACTCTGCAGCCCCAGTGC

3600 : :
4046 CCACTCTCAAGAGGCTGAGGAGGTCCCGGCCCCACTTGCTCCTCTGCGGCCATGGCCCAT

3660 : :
4106 GGGGTCCATGACCAGCGCCGAGCCTCCATGCCTTTCCCAGCTACCAAGGGGATGCTCAG

3720 : :
4166 CTGTGATGCAGGAGAGGGATAGAGGGAGGAAGCAAGACAGCATGACTCCAGCCGCAGACC

3780 : :
4226 TTCTCCCGGAGATGCTGACAGCCCTTTCTTCCAAACTGGCATCACACCCAGCCGGCCAGG

Figure 4F

```
3840      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
4286 ATAAAAATAACCAGCTCGTCTTCACCACGGGCTGAAGGATCCCNNNNNNNNNNCACGAAA
-----

3900      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
4346 AGCCCCCTTCTGGGCCTCCAGGGAAAAGCATAAGATCTAATTCTTGCTTTGAAATTTTTTTT
-----

3960      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
4406 TTAAATGTGTTTGAAAATGCAACTTAATTGTGTTTTTCCTCTCTCTCCCCACAACCTGGCT
-----

4020      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
4466 CTGACCTCGCCATCTTCCTGTCCTTGTCCTCTTGTCTACTCATTGCTCCTCCCAGGACA
-----
55                                     G H

4080      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
4526 TCATGTGAGGCTCTGTAAACCATGCAAGCTTGAGCCAGAGCCCCGCCTTTGGGTGGTGCC
      :
56   H V R L C K P C K L E P E P R L W V V P

4140      .      :
4586 TGGGGCACTCCCACAGGTG
      :
76   G A L P Q V
```